

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**



PCT
WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 9/60		A1	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 98/42829
			(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 1. Oktober 1998 (01.10.98)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP98/01653 (22) Internationales Anmeldedatum: 20. März 1998 (20.03.98) (30) Prioritätsdaten: 97104877.2 21. März 1997 (21.03.97) EP (34) Länder für die die regionale oder internationale Anmeldung eingereicht worden ist: DE usw. (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): BOEHRINGER MANNHEIM GMBH [DE/DE]; Sandhofer Strasse 112-132, D-68305 Mannheim (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): GROLL, Michael [DE/DE]; Türkenstrasse 11, D-80333 München (DE). HUBER, Robert [DE/DE]; Schlesierstrasse 13, D-82110 Germering (DE). DITZEL, Lars [DE/DE]; Aternstrasse 12, D-80689 München (DE). ENGH, Richard [US/DE]; Herbststrasse 4, D-82234 Wessling (DE). (74) Anwälte: WEICKMANN, H. usw.; Kopernikusstrasse 9, D-81679 München (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GE, GH, GM, GW, HU, ID, IL, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, ARIPO Patent (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG). Veröffentlicht Mit internationalem Recherchenbericht. Vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche zugelassenen Frist; Veröffentlichung wird wiederholt falls Änderungen eintreffen.	

(54) Title: METHOD FOR THE PURIFICATION AND CRYSTALLIZATION OF PROTEASOME

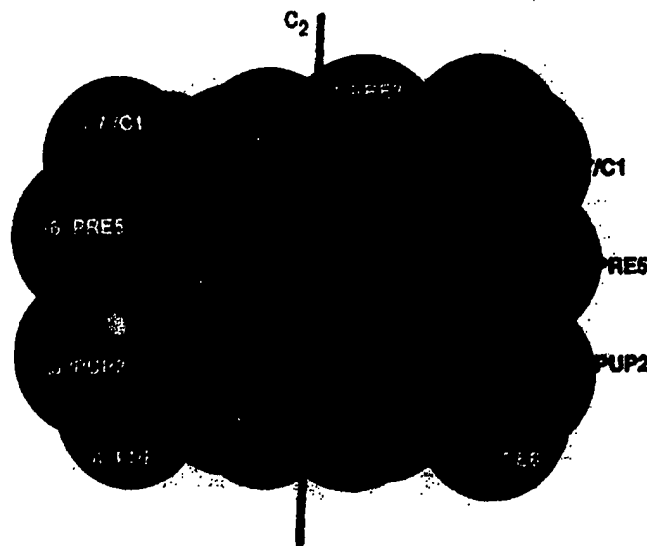
(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR REINIGUNG UND KRISTALLISIERUNG VON PROTEASOM

(57) Abstract

The invention relates to a method for the production of a purified eucaryotic crystallizable proteasome preparation, and to the proteasome preparation obtained by this method. The invention also relates to a purified eucaryotic proteasome preparation in crystallized form. With the aid of crystal data from this proteasome preparation, new proteasome inhibitors can be identified and produced, in particular with the aid of computer assisted modelling programmes.

(57) Zusammenfassung

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zum Gewinnen einer aufgereinigten eukaryontischen kristallisierbaren Proteasomen-Präparation und die durch das Verfahren erhältliche Proteasomen-Präparation. Weiterhin betrifft die Erfindung eine aufgereinigte eukaryontische Proteasomen-Präparation in kristallisierter Form. Mit Hilfe der Kristalldaten aus dieser Proteasomen-Präparation können neue Proteasomen-Inhibitoren, insbesondere mit Hilfe von computergestützten Modelling-Programmen identifiziert und gewonnen werden.



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

- 1 -

VERFAHREN ZUR REINIGUNG UND KRISTALLISIERUNG VON PROTEASOM

5

Beschreibung

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zum Gewinnen einer aufgereinigten eukaryontischen kristallisierbaren Proteasomen-Präparation und die durch das Verfahren erhältliche Proteasomen-
10 Präparation. Weiterhin betrifft die Erfindung eine aufgereinigte eukaryontischen Proteasomen-Präparation in kristallisierter Form. Mit Hilfe der Kristalldaten aus dieser Proteasomen-Präparation können neue Proteasomen-Inhibitoren, insbesondere mit Hilfe von computergestützten Modelling-Programmen
15 identifiziert und gewonnen werden.

Das Proteasom ist das zentrale Enzym beim Proteinabbau sowohl im Cytosol als auch im Zellkern. Es ist an vielen biologischen Prozessen beteiligt, einschließlich der Entfernung abnormaler, fehlgefalteter oder falsch assemblierter Proteine, der Reaktion auf Stress (durch Prozessierung oder Abbau von Transkriptionsregulatoren), der Zellzykluskontrolle (durch Abbau von Zyklinen), der Zelldifferenzierung und metabolischen Adaption (durch Zerstörung von Transkriptionsfaktoren oder metabolischen Enzymen) und der zellulären Immunreaktion (durch Erzeugung antigener Peptide, die von MHC Klasse I Molekülen präsentiert werden). Für diese zellulären Funktionen, die auf einem Ubiquitin und ATP erfordernden Abbau von Proteinen beruhen, wird das 26S Proteasom benötigt, dessen Kern und proteolytische Kammer durch das 20S Proteasom gebildet werden.
20
25
30

Das 20S Proteasom aus dem Archaeobakterium *Thermoplasma acidophilum* wurde durch Röntgenstrukturkristallographie bei einer Auflösung von 0,34 nm analysiert. Es hat eine zylindrische Form mit einer Länge von 14,8 nm und einem maximalen bzw. minimalen Durchmesser von 11,3 nm bzw. 7,5 nm. Es besteht aus 28 Untereinheiten, die in einem Partikel als 4 homoheptamere
35

- 2 -

Ringe $\alpha 7\beta 7\beta 7\alpha 7$ mit D7 Symmetrie angeordnet sind (Löwe et al., (1995), Science 268, 533-539). Im T.acidophilum Proteasom ist der N-terminale Threoninrest der β -Untereinheiten die Bindestelle von inhibitorischen Peptidaldehyden und essentiell für die hydrolytische Aktivität. Auch Stock et al. ((1996), Current Opinion in Biotechnology, 7: 376-385) beschreiben die Struktur und Funktion von T.acidophilum Proteasomen. Eine Übertragung von T.acidophilum-Daten auf eukaryontische Proteasomen ist nicht möglich, da die Homologie der Proteasomen zwischen diesen Spezies zu gering ist.

Eukaryontische Proteasomen sind erheblich komplexer als das archaebakterielle Proteasom. So ist das 20S Proteasom aus Saccharomyces cerevisiae aus insgesamt sieben verschiedenen α -Typ und sieben verschiedenen β -Typ-Untereinheiten aufgebaut, die bereits kloniert und sequenziert wurden, vgl. z. B. Heinemeyer et al. (1994), Biochemistry 33, 12229-12237).

Die eukaryontischen 20S Proteasomen, z. B. aus Hefe und aus Säugern, sind hinsichtlich der Aminosäuresequenzen von Untereinheiten und ihrer durch Elektronenmikroskopie erkennbaren Grobstruktur sehr nahe verwandt. Die α -Typ und β -Typ Untereinheiten des Säuger 20S Proteasoms bilden eine geordnete und wohldefinierte Struktur (Kopp et al. (1995), J. Mol. Biol. 248, 264-272). In Säugerzellen können drei zusätzliche nicht essentielle Untereinheiten des 20S Proteasoms, die als LMP2, LMP7 und MECL1 bezeichnet werden, konstitutive Komponenten nach Induktion mit dem Cytokin Interferon γ ersetzen. Ihre Expression oder gezielte Deletion ändert die Peptidasespezifität des Proteasoms und die Expressionsstärke von MHC Klasse I Molekülen an der Zelloberfläche.

Hilt, Heinemeyer und Wolf ((1993), Enzyme Protein 47: 189-201) beschreiben den Aufbau von 20S und 26S Hefeproteasomen sowie die proteolytische Aktivität von β -Typ-Untereinheiten. Ferner werden die unterschiedlichen Funktionsweisen von 20S und 26S Proteasomen hinsichtlich des Stoffwechsels und der Differen-

- 3 -

zierung einer Zelle diskutiert. Kristallographische Daten von eukaryontischen Proteasomen werden nicht beschrieben.

In der Veröffentlichung Rivett et al. (1994), Methods Enzymol. 244, 331-350) und den darin enthaltenen Zitaten sind bisher zur Aufreinigung von Proteasomen verwendete Ausgangsmaterialien, z. B. Gewebe und Zellen von Säugern, wie Maus, Ratte, Mensch oder Rind, anderen Tieren, Pflanzen und Hefe aufgelistet.

10

Auch in der Patentliteratur finden sich zahlreiche Dokumente, die Proteasomen betreffen. So wird beispielsweise die Herstellung von eukaryontischen Proteasomen in EP-A-03 45 750, JP-A-05 292 964 und JP-A-06 022 759 beschrieben. Die dort offenbarten Proteasomen-Präparationen besitzen jedoch keine ausreichende Reinheit, um eine Kristallisierung zu ermöglichen.

Morimoto et al. ((1995), J. Biochem. 117, 471-474), Hwang et al. ((1994), Mol. Cells, Vol. 4, 273-275) und Perkins et al. ((1994), Journal of Structural Biology 113, 124-134) beschreiben die Kristallisierung von eukaryontischen Proteasomen. Aufgrund der geringen Reinheit der Proteasomen-Präparationen werden lediglich Auflösungen von 0,44 nm, > ca. 5,0 nm bzw. 1,5 nm erreicht, so daß eine Strukturbestimmung oder ein Molecular Modelling mit diesen Proteasomen-Präparationen nicht möglich ist.

Nukleotid- und Aminosäuresequenzen von Proteasomenuntereinheiten werden beispielsweise in den japanischen Anmeldungen JP-A-04 077 497, JP-A-04 077 498, JP-A-04 117 283, JP-A-05 317 059, JP-A-07 255 476, JP-A-08 116 972, JP-A-08 205 871 und JP-A-08 217 796 sowie im japanischen Patent 40 51 896 beschrieben.

Inhibitoren für das Proteasom sind beispielsweise in JP-A-05 000 968, WO 92/20 804, WO 94/17 816, WO 95/24 914, WO 95/25

- 4 -

533, WO 96/13 266, WO 96/32 105 (Lactacystinanaloga) und US-A-55 80 854 (Peptidaldehydinhibitoren) beschrieben.

Klafky et al. ((1995), Neuroscience Letters 201, 29-32) untersuchen die Wirkung des Proteasominhibitors Calpain Inhibitor 1 auf die Sekretion von β -Amyloid-Peptid, das durch Spaltung des β -Amyloid-Precursor-Proteins (APP) entsteht, und das als ein Auslöser der Alzheimer Krankheit diskutiert wird. Proteasom-Strukturdaten sind in dieser Publikation nicht enthalten.

10

Fenteany et al. ((1995), Science, Vol. 268, 726-731) beschreiben den Streptomyces Metaboliten Lactacystin als Zellzyklusinhibitor und Induktor für Neuritenauswachsen einer Maus Neuroblastomazelllinie. Als spezifisches zelluläres Ziel dieses Inhibitors wurde das 20S Proteasom mittels Tritium-markiertem Lactacystin identifiziert. Eine kristallisierbare Proteasomen-Präparation wird nicht beschrieben.

WO 91/13904 beschreibt die Identifizierung und Charakterisierung einer Chymotrypsin-ähnlichen Protease, die als multikatalytische Protease vorliegt sowie deren Verwendung zur Behandlung der Alzheimer Krankheit. Die Verwendung von für Chymotrypsin-Aktivität-spezifischen Substraten zum Testen oder Screenen von Inhibitoren wie hierin beschrieben, führt ausschließlich zur Identifizierung von Inhibitoren, die spezifisch für eine Chymotrypsin-ähnliche Aktivität sind.

Somit wird ersichtlich, daß ein großes Bedürfnis nach weiteren Erkenntnissen über Proteasomen, insbesondere hinsichtlich deren genauen Struktur besteht, um die Herstellung von neuen Proteasomeninhibitoren auf rationale Weise zu ermöglichen. Die der Erfindung zugrundeliegende Aufgabe bestand somit darin, ein Verfahren bereitzustellen, das die Kristallisierung eukaryontischer Proteasomenpräparationen ermöglicht, so daß mit Hilfe der Kristallstruktur die Entwicklung neuer Inhibitoren vereinfacht wird.

- 5 -

Die erfindungsgemäße Aufgabe wird gelöst durch ein Verfahren zum Gewinnen einer aufgereinigten eukaryontischen Proteasomenpräparation, umfassend die Schritte:

- 5 (a) Herstellung eines Rohextrakts durch Aufschluß von eukaryontischen Zellen,
- (b) Abtrennung unlöslicher Bestandteile aus dem Rohextrakt,
- (c) chromatographische Auftrennung in Fraktionen über ein Ionenaustauschermedium, z. B. Q- Sepharose,
- 10 (d) Testen der in Schritt (c) erhaltenen Fraktionen und Sammeln der aktiven Fraktionen,
- (e) chromatographische Auftrennung über Hydroxyapatit,
- (f) Testen der in Schritt (e) erhaltenen Fraktionen und Sammeln der aktiven Fraktionen,
- 15 (g) Konzentrierung der vereinigten Fraktionen,
- (h) chromatographische Auftrennung über ein Gelfiltrationsmedium in einem Molekulargewichtsbereich von 5 kD bis 5 MD, z. B. Superose und
- 20 (i) Testen der in Schritt (h) erhaltenen Fraktionen und Sammeln der aktiven Fraktionen.

Als Ausgangsmaterial für das erfindungsgemäße Verfahren können beliebige eukaryontische Zellen eingesetzt werden, z. B. Tierzellen, Pflanzenzellen oder Pilzzellen wie etwa Hefezellen.
25 Besonders bevorzugt ist die Verwendung von Hefezellen, z. B. *Saccharomyces cerevisiae*.

Das Testen der Fraktionen während des Anreicherungsprozesses erfolgt üblicherweise durch Bestimmung der für Proteasomen
30 typischen proteolytischen Aktivität. Als Substrate können hierbei beispielsweise bekannte chromogene Peptide eingesetzt werden. Vorzugsweise erfolgt das Testen der Fraktionen derart, daß man jeweils zwei parallele Bestimmungen der proteolytischen Aktivität durchführt, wobei die eine in Abwesenheit und
35 die andere in Gegenwart eines Proteasomeninhibitors, z. B. Lactacystin, durchgeführt wird. Diese Art des Testens erlaubt eine eindeutige Unterscheidung der Proteasomen enthaltenden

- 6 -

Fraktionen von anderen Fraktionen mit proteolytischer Aktivität.

Die Durchführung der Anreicherung umfaßt drei chromatographische Trennschritte (c), (e) und (h), von denen mindestens einer in einem FPLC-System durchgeführt werden kann, z. B. Schritt (h).

Durch das erfindungsgemäße Verfahren wird eine aufgereinigte Proteasomen-Präparation erhalten, die in einer ausreichenden Menge und Reinheit vorliegt, so daß eine nachfolgende Kristallisierung ermöglicht wird.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist somit eine aufgereinigte eukaryontische Proteasomenpräparation, die durch das erfindungsgemäße Verfahren erhältlich ist. Noch ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist eine aufgereinigte eukaryontische Proteasomen-Präparation in kristallisierbarer Form. Noch ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist eine aufgereinigte kristallisierte eukaryontische Proteasomen-Präparation.

Die kristallisierte Proteasomen-Präparation kann auch einen Proteasomen-Inhibitor enthalten. Beispiele für geeignete bekannte Proteasomen-Inhibitoren sind Lactacystin oder Analoga davon bzw. Tripeptid-Aldehyde wie Calpaininhibitor.

Die erfindungsgemäße eukaryontische Proteasomen-Präparation umfaßt ein 20S Proteasom, d. h. einen Komplex aus 28 Untereinheiten, der jeweils 2 Moleküle von sieben verschiedenen α -Typ-Untereinheiten und sieben verschiedenen β -Typ-Untereinheiten enthält. Darüber hinaus kann der Komplex noch Metallionen, z. B. Magnesium, Lösungsmittelmoleküle, z. B. Wasser, und andere Polypeptidkomponenten enthalten.

Die erfindungsgemäße aufgereinigte eukaryontische Proteasomenpräparation kann zur Identifizierung und Gewinnung neuer Pro-

- 7 -

teasomen-Inhibitoren eingesetzt werden. Dabei werden insbesondere Daten aus der Kristallstruktur von kristallisierten eukaryontischen Proteasomen-Präparationen eingesetzt. Die Identifizierung und Gewinnung neuer Proteasomen-Inhibitoren erfolgt vorzugsweise in einem computergestützten Modellingprogramm.

Beispielsweise kann das Inhibitor-Design durch visuelle Inspektion graphischer Darstellungen der Struktur erfolgen und zwar insbesondere

- 10 (a) durch Bestimmung der für Liganden zugänglichen Volumina an aktiven Stellen, z. B. mit Hilfe der Programme INSIGHT, SYBYL, QUANTA, FRODO, O etc.,
- 15 (b) durch Bestimmung von idealen Ligandeneigenschaften hinsichtlich Hydrophobizität oder Wasserstoffbrückenbindungen, z. B. mit Hilfe der Programme LUDI, GRID etc. oder/und
- 20 (c) durch Bestimmung der elektronischen Eigenschaften von für Liganden zugänglichen Oberflächen an den aktiven Stellen, z. B. mit Hilfe des Programms GRASP etc.

Alternativ oder zusätzlich können Liganden durch automatisierte Ligandenfragment-Andock- oder Anpassprozeduren, z. B. mit Hilfe der Programme DOCK, LUDI, LEAPFROG etc. ermittelt werden.

Besonders bevorzugt werden für diesen Zweck die Kristalldaten der Proteasomuntereinheiten vom β -Typ, insbesondere der Proteasom-Untereinheiten $\beta 5$ /PRE2, $\beta 1$ /PRE3 oder/und $\beta 2$ /PUP1 bzw. homologer Untereinheiten aus anderen eukaryontischen Proteasomen sowie benachbarte Untereinheiten davon, z. B. $\beta 4$ /C11 oder/und $\beta 7$ /PRE4 verwendet.

35 Für das Design von Inhibitoren des humanen Proteasoms können die erfindungsgemäßen Kristallstrukturdaten des Hefeproteasoms mit bekannten Aminosäuresequenzen des humanen Proteasoms durch

- 8 -

Homologiemodelling modifiziert werden. Ein solches Homologiemodelling kann durch molekulare Grafikprogramme wie etwa O, INSIGHT, FRODO, etc. durchgeführt werden. Insbesondere erfaßt die vorliegende Erfindung ein Homologiemodelling der homologen 5 aktiven Stellen der aktiven Monomere im allgemeinen und insbesondere zum Zwecke des Inhibitor designs. In Figur 1 ist die Homologie der Aminosäuresequenzen des Hefeproteasoms und des humanen Proteasoms in den relevanten Bereichen gezeigt.

10 Weiterhin soll die Erfindung durch nachfolgenden Beispiele und Figuren erläutert werden. Es zeigen:

Figur 1 die Homologie zwischen den für die aktiven Untereinheiten des Proteasoms kodierenden Aminosäuresequenzen aus Hefe und Mensch; die 15 $\beta 1$ /PRE3, $\beta 2$ /PUP1, $\beta 5$ /PRE2 Subfamilien sind gelb, grün bzw. blau dargestellt; die Reste der S1-Tasche, welche die Spezifitätsänderungen der PRE3 Subfamilie nach Substitution der humanen Untereinheit Y durch LMP2 nach Cytokininduktion beeinflussen, sind braun gezeichnet; 20

Figur 2 die Topologie der 28 Untereinheiten des 20S Proteasoms, gezeichnet als Kugeln, 25

Figur 3 die C α -Kettenpositionen der Untereinheiten $\beta 7$ /PRE4, $\beta 6$ /C5, $\beta 1'$ /PRE3, $\beta 2'$ /PUP1 und $\beta 3'$ /PUP3, in denen die β -cis und β -trans- β -Wechselwirkungen durch Kontakte von Insertionssegmenten hervorgehoben sind, 30

Figur 4a bis b Elektronendichtekarten (Konturiert ab 1 σ) in ähnlichen Orientierungen um THR1 mit zwei F $_o$ -F $_c$ -Coeffizienten nach zweifacher Mittlung; die roten Modellteile wurden über die Phasenggebung weggelassen. $\beta 5$ /PRE2 mit dem kovalent gebundenem Lactacystin (LACT) und dem Wassermolekül 35

- 9 -

NUK (a) und $\beta 7/\text{Pre}4$ mit einem Teil eines Pro-peptids (b),

Figur 5

5

10

15

ein Schema der vorgeschlagenen chemischen Schritte von Autolyse und Substrathydrolyse. Erzeugung eines Prozessierungsintermediats durch Hydrolyse an der "sauren" β -Ringfläche (A). Erzeugung der vollständig prozessierten aktiven Untereinheit über ein Acyl-Enzym (B) und dessen Hydrolyse (C). Michaelis-Komplex eines Substratpolypeptids (D). Spaltung an der β -Ringfläche und Bildung mit Peptidspaltung assoziierten Acyl-Enzyms (E). Acyl-Enzym-Hydrolyse und Freisetzung des Octapeptidprodukts (F).

Figur 6a bis c die Bindung des Calpaininhibitors und die S1 Taschen, $\beta 1/\text{PRE}3$ ist in Grau mit den P1 kontaktierenden Resten in Rot dargestellt; $\beta 2/\text{PUP}1$ ist in Grün und der Inhibitor in Blau (a) dargestellt; $\beta 2/\text{PUP}1$ (b), $\beta 5/\text{PRE}2$ (c) mit analogen Farbgebungen;

20

Figur 7

25

30

35

die untere Hälfte der β - β -Kammer. Die Hauptkette mit roten Kreisen für die Carbonylsauerstoffe ist für die C-terminalen Abschnitte der Helices H2 der sieben β -Typ Untereinheiten, die die β -Ringfläche definieren, angegeben. Die intermediär prozessierten und die unprozessierten Propeptide der Untereinheiten $\beta 6/\text{C}5$, $\beta 7/\text{PRE}4$, $\beta 3/\text{PUP}1$ und $\beta 4/\text{C}11$ (grün) und der Calpaininhibitor (gelb) gebunden an $\beta 1/\text{PRE}3$, $\beta 2/\text{PUP}1$ und $\beta 5/\text{PRE}2$ sind gezeigt. Zwei Magnesiumionen, die nahe der β -Ringfläche lokalisiert sind, sind als silberne Kreise gezeichnet; und

- 10 -

Figur 8 eine Oberflächenansicht des Proteasomenmoleküls, geschnitten längs der Zylinderachse. Drei der sechs Calpaininhibitormoleküle, gebunden an β 1/PRE3, β 2/PUP1 und β 5/PRE2 sind als raumfüllende Modelle in rot dargestellt. Die abgedichteten α -Öffnungen an beiden Enden des Partikels, einige wenige schmale Seitenfenster und die scharf abgeschnittenen inneren β -Ringflächen sind zu erkennen.

Beispiele

Beispiel 1 Proteinpräparation und Charakterisierung

Hefezellen von *Saccharomyces cerevisiae* (Hefe-Mayr, München, Deutschland) wurden zweimal mit eiskaltem Wasser gewaschen und in Puffer A (20 mM Tris-HCl, pH 7,5, 1 mM EDTA, 1 mM NaN_3) in einem Gewichtsverhältnis Zellen zu Puffer von 2:3 suspendiert. Die Zellen wurden für 10 Min in einer Mühle (Biomatik, Deutschland) mit Glaskugeln (Durchmesser: 0,5 mm; Volumenverhältnis Glaskugeln zu Zellsuspension: 3:2) desintegriert. Das Aufbrechen der Zellen wurde mikroskopisch überwacht.

Nach Filtration wurde der Rohextrakt für 10 min bei 10.000 x g in einer Sorvall RC 2B Zentrifuge abzentrifugiert. Der Überstand wurde erneut 45 min bei 134.000 x g in einem Ti-55,2 Rotor (Beckmann) zentrifugiert. Die Lipide aus der obersten Schicht wurden sorgfältig entfernt und die verbleibenden gelben Lösungen vereinigt. Die Proteinkonzentrationen waren etwa 50 mg/ml.

Unmittelbar nach der Zentrifugation wurde der Extrakt auf eine Q-Sepharosesäule (5 x 20 cm) aufgebracht, die mit 280 mM NaCl in Puffer A äquilibriert war. Die Säule wurde mit 280 mM NaCl in Puffer A gewaschen, die Proteine wurden mit einem Gradienten von 280 bis 800 mM NaCl eluiert. Die Durchflußrate war 120 ml/h und es wurden 12 ml Fraktionen gesammelt. Das Protea-

- 11 -

som wurde bei 400 - 450 mM NaCl eluiert. In allen Fraktionen wurden Chymotrypsin-artige (CL), Peptidylglutamyl-Peptidhydrolase (PGPH) und Trypsin-artige (TL) enzymatische Aktivitäten gemessen.

5

Um das 20S Proteasom zu erhalten, wurde von allen aktiven Fraktionen in Gegenwart von Lactacystin erneut die CL-Aktivität gemessen und die Fraktionen mit verringerten Aktivität wurden gesammelt. Die vereinigten Fraktionen wurden dreifach mit Wasser verdünnt und auf eine Hydroxyapatitsäule (3 x 10 cm) aufgetragen, die mit 60 mM Kaliumphosphat, pH 7,5 äquilibriert war. Die Säule wurde mit 60 mM Kaliumphosphat pH 7,5 gewaschen und mit einem Gradienten von 60-300 mM Kaliumphosphat eluiert wird. Die Durchflußrate war 60 ml/h. Es wurden 12 ml Fraktionen gesammelt. Die CL-, PGPH- und TL- Aktivität wurde in allen Fraktionen gemessen und die aktiven Fraktionen wurden vereinigt.

Die vereinigten Fraktionen wurden zwanzigfach durch Ultrafiltration unter Verwendung einer AMICON YM30 Membran konzentriert und das Konzentrat wurde auf eine Superose 6 Säule (1 x 30 cm) äquilibriert mit Puffer A aufgetragen. Die Elution wurde mit einer Durchflußrate von 18 ml/h in Puffer A durchgeführt. Das Proteasom eluierte nach 37 min. Aus 500 g Hefezellen konnten auf diese Weise 50 mg kristallisierbares Protein erhalten werden.

Alle präparativen Schritte mit Ausnahme der FPLC wurden bei 4°C. ausgeführt. Die chromogenen Peptidsubstrate wurden in Dimethylsulfoxid bei einer Konzentration von 1 mM gelöst. Die proteolytische Aktivität gegen diese Substrate wurde gemäß Achtstetter et al. (1994), J. Biol. Chem. 259, 13344-13348, bestimmt. Die chromogenen Peptidsubstrate wurden von Bachem (Bubendorf, Schweiz) bezogen. Q-Sepharose und Hydroxyapatit stammten von Sigma und BioRad. Die FPLC Vorrichtung, die MonoQ- und Superose 6 Säule stammten von Pharmacia (Freiburg,

- 12 -

Deutschland), alle anderen Chemikalien wurden in der höchst möglichen Reinheit von Merck (Darmstadt, Deutschland) bezogen.

Beispiel 2 Kristallisierung

5

Die Kristalle wurden in Hängetropfen bei 24 °C gezüchtet. Die Proteinkonzentration, die zur Kristallisation verwendet wurde, war 40 mg/ml in 10 mM Tris/HCl (pH 7,5) und 1 mM EDTA. Die Tropfen bestanden aus 4 µl der Proteinlösung und 2 µl einer
10 Reservoirlösung, die 40 mM Magnesiumacetat, 0,1 M Morpholinoethansulfonsäure (pH 6,5) und 12 % 2,4-Methylpentandiol enthielt. Die den Inhibitor Lactacystin enthaltenden Kristalle wurden durch Eintauchen in eine 1 mM Lactacystinlösung für 6 h hergestellt. Die den Inhibitor Acetyl-Leu-Leu-Norleucin (Cal-
15 pain Inhibitor I, Boehringer Mannheim) enthaltenden Kristalle wurden durch Eintauchen in eine 5 mM Calpainlösung für 6 h hergestellt. Die kristallographischen Daten sind in Tabelle 1 angegeben.

20 Beispiel 3 Kristallographie

Die Kristalle waren sehr gut geordnet und zeigten nur eine leichte Anisotropie. Somit wurde eine Auflösung von 0,24 nm möglich. Die Acetyl-Leu-Leu-Norleucinal-inhibierten Kristalle
25 hatten eine etwas verringerte Ordnung.

Die Anisotropie der Diffraktion wurde unter Verwendung der gefundenen Strukturfaktoramplituden mit solchen korrigiert, wie sie aus einem Modell mit isotropen Temperaturfaktoren
30 unter Verwendung von XPLOR (Bruenger, 1992) berechnet wurden. Die Datensätze wurden bei der BW6-Beamline am DESY Hamburg mit einer Synchrotronstrahlung von $\lambda = 0,11$ nm erhalten. Die Kristalle wurden in einen Gefrierschutzpuffer (30 % MPD, 28 mM Magnesiumacetat, 0,1 M Morpholinoethansulfonsäure, pH 6,9)
35 eingetaucht und in einem Strom von 90 °K kaltem Stickstoffgas gefroren. Die Diffraktionsdaten wurden mit einer 300 mm Mar Forschungs-Imagingplatte in einer Entfernung von 275 mm (LACT)

- 13 -

oder 280 nm (CAL) gesammelt. Die Bestimmung von Röntgenintensitäten erfolgte mit dem MOSFLM Computerprogramm Version 5.3 und die Datenreduktion wurde mit CCP4 durchgeführt (Leslie (1992), Acta Cryst. D50, 760-763; Joint CCP4 and ESF-EACMB, Newslett. Protein Crystallogr. (Daresburg Laboratory Warrington UK 26; Collaborative Computational Project Number 4 (1994).

Eine bei 0,5 nm Auflösung berechnete Rotationsfunktion zeigte zwei mit der Kristallsymmetrie in Beziehung stehende Peaks, die auf das Vorhandensein von lokalen diadischen Molekülachsen bei $\psi \ 86^\circ \ \phi \ 90^\circ$ und $\psi \ 94^\circ \ \phi \ 90^\circ$ hinwiesen. Ihre Korrelationswerte waren die Hälfte des Wertes einer kristallographischen Diade, wie sie für eine fast ideale molekulare zweifache Symmetrie zu erwarten war. Das T.acidophilum Modell wurde für die Patterson Suchkalkulationen unter Verwendung von AMoRe (Navaza (1994), Acta Cryst. A50, 157-163) bei einer Auflösung von 0,35 nm eingesetzt. Diese zeigten, wenn man die D7 Symmetrie des Untersuchungsmodells in Betracht zog, eine einzige Lösung mit einem Korrelationswert von 0,32 und einem R-Faktor von 56 % verglichen mit dem nächsthöchsten Peak von 0,28 und 57 %.

Das T.acidophilum Modell wurde auf Polyalanin reduziert mit nur einigen wenigen konservierten Resten, die in der α -Typ Untereinheit verblieben. Dieses Modell ergab einen R-Faktor von 57,7 % und wurde zur Berechnung einer $2F_o - F_c$ Karte bei 0,24 nm mit X-PLOR (Bruenger (1992), X-PLOR Version 3.1. A System for X-Ray Crystallography and NMR) verwendet. Die elektronische Dichte wurde im Realraum mit MAIN (Turk (1992), Dissertation, Technische Universität München) unter Verwendung der lokalen Zweifachachse im gegenwärtigen Modell ($\psi=85,1$, $\phi=90,8$, $\kappa=180,1$) gemittelt, rücktransformiert, und eine neue Dichte wurde mit $2F_o - F_c$ Koeffizienten berechnet. Nach 10 Abgleichungszyklen war die Qualität der Karte gut ($R_{\text{back}}=27,3$ %). Die einzelnen Untereinheiten wurden entsprechend ihrer charakteristischen Insertionen, Deletionen und Aminosäuresequenzen identifiziert und wurden in die Karte auf einer ESV-30 Graphiksystem

- 14 -

Arbeitsstation (Evans & Sutherland, Salt Lake City, Utah) unter Verwendung von FRODO (Jones (1978), J. Appl. Cryst. 11, 268-272) eingebaut. Eine kristallographische Verfeinerung erfolgte mit X-PLOR (Bruenger, 1992) mit energetisch und zwei-
5 fach nicht-kristallographischen Symmetriebeschränkungen unter Verwendung der von Engh und Huber (1991), Acta Cryst. A 47, 392 - 400, beschriebenen Parameter. Zusätzlich wurde zur Korrektur für eine anisotrope Kristallordnung ein Streuungsbeitrag für das Lösungsmittel berechnet und während der Verfeine-
10 rung in die Berechnung des Modells einbezogen.

Das fertige Modell berücksichtigte die Inhibitormoleküle Lactacystin und Acetyl-Leu-Leu-Norleucinal, 18 Magnesiumionen, bzw. 1.800 Wassermoleküle. Die R-Werte sind zufriedenstellend
15 und die Standardgeometrie der Bindungen und Winkel hervorragend. Die lokale molekulare diadische Symmetrie ist gut konserviert, was auch durch den sehr geringen Wert R_{back} 13 % in der Endstufe der Analyse gezeigt wird. Der Anstieg im R-Wert um 3 % für Daten mit einer Auflösung von 0,28 nm gegenüber
20 0,24 nm ist eine Folge der anisotropen Kristallordnung, welche die Datenqualität beeinträchtigt, und der beschränkten Einbeziehung geordneter Lösungsmittelmoleküle.

Beispiel 4 Charakterisierung der Struktur

25 4.1 Struktur von Untereinheiten

Die 14 aus Hefe klonierten Gene, die für Komponenten des 20S Proteasoms kodieren, können in sieben α -Typ und sieben β -Typ-Untereinheiten eingeteilt werden.

30

Die β -Typ Untereinheiten werden als Prekursoren synthetisiert, die zu den im assemblierten Proteasom vorliegenden reifen Formen prozessiert werden. Die reifen β -Typ Polypeptide β 2/PUP1, β 5/PRE2 und β 1/PRE3 werden aus ihren Proformen durch Spaltung
35 zwischen Gly-1 und Thr1 unter Freisetzung der aktiven Stelle Thr1 erhalten, während β 7/PRE4 zwischen Asn-9 und Thr-8 und β 6/C5 zwischen His-10 und Gln-9 gespalten werden und als sta-

- 15 -

bile Prozessierungsintermediate vorliegen. β 4/C11 und β 3/PUP3 werden nicht prozessiert und beginnen mit Met(-1) bzw. Met(-9). Die Untereinheiten PUP1, PRE2 und PRE3 werden als vollständig prozessiert, die Untereinheiten PRE4 und C5 als teilweise prozessiert und die Untereinheiten C11 und PUP3 als unprozessiert bezeichnet.

Alle 14 Untereinheiten liegen in der kristallinen molekularen Struktur an eindeutigen Positionen vor. Sie sind fast vollständig definiert durch die Elektronendichte abgesehen von einigen Kettentermini und langen Insertionssegmenten.

Die Elektronendichte für die Hauptketten ist in den α -Typ-Untereinheiten wie folgt definiert: α 2/Y7: Thr5-Leu236, α 3/Y13: Gly4-Gly237, α 4/PRE6: Tyr8- Gln244, α 5/PUP2: Arg10- Glu243 (7 Reste der Insertion sind nicht definiert - Gly12 bis Arg 126), α 6/PRE5: Phe4 - Ile233, α 7/C1: Gly5 - Asn241, α 1/C7: Gly6 - Asp240.

In den β -Typ-Untereinheiten ist die Elektronendichte wie folgt definiert: β 3/PUP3: Ser-8-Asp 193, β 6/C5: Gln-9-Asp 193, β 4/C11: Met-1-Gln192, β 7/PRE4: Thr-8-Ile211, β 2/PUP1: Thr1-Cys221, β 1/PRE3: Thr1-Leu196, β 5/PRE2: Thr1-Gly211.

Alle sieben α - und β -Typ-Polypeptide haben eine charakteristische β -Sandwich-Struktur. Sie ist gebildet aus zwei fünfsträngigen antiparallelen β -Faltblattstrukturen mit den darüberliegenden helicalen Schichten aus den Helices H3, H4, H5 und den darunterliegenden Helices H1 und H2 gebildet ist. Sie unterscheiden sich aber in den Knicken, die um eine oder zwei Aminosäurereste in der Länge variieren, in langen Insertionen, die Sekundärstrukturelemente verbinden, sowie in den N-terminalen und insbesondere in den C-terminalen Regionen.

Bei den α -Typ-Untereinheiten hat α 2/Y7 eine lange Insertionsschleife zwischen den Strängen S9 und S10, die aus einer kurzen α -Helix und einem β -Strang aufgebaut ist. α 1/C7 weist eine

- 16 -

Verlängerung der Helix H3 um zwei Knicke durch die Insertion bei G180 auf. Die Untereinheiten $\alpha 1/C7$, $\alpha 3/Y13$, $\alpha 4/PRE6$, $\alpha 5/PUP2$ und $\alpha 7/C1$ haben längere C-terminale Helices H5, die aus der Teilchenoberfläche in die Lösung hervorstehen. Die hoch geladenen, meist sauren C-terminalen Segmente sind unstrukturiert.

Bei den β -Typ-Untereinheiten mit langen Insertionen hat $\beta 7/PRE4$ einen deutlichen Knick zwischen den Helices H1 und H2 und eine zusätzliche α -Helix mit 2 Knicken bei Rest 145. $\beta 6/C5$ hat eine Insertion von 17 Resten zwischen H3 und H4 mit einer komplexen Faltung und einer kurzen Helix. $\beta 2/PUP1$ hat eine sehr lange C-terminale Extension, die in ihren letzten 11 Resten stark ungeordnet ist. Die Untereinheiten $\beta 3/PUP3$ und $\beta 6/C5$ haben kurze C-Termini, so daß die Helices H5 nicht existieren, und die Stränge S10 verlängert sind, um das β -Faltblatt zu vergrößern. In $\beta 4/C11$ existiert die Helix H5, ist aber um 2 Knicke kürzer als bei *T.acidophilum*.

Viele dieser Untereinheit-spezifischen Knicke, Insertionen und N- und C-Termini sind an Kontakten zwischen Untereinheiten beteiligt, wie im folgenden diskutiert wird.

4.2 Der (C7, Y7, Y13, PRE6, PUP2, PRE5, C1; PRE3, PUP1, PUP3, C11, PRE2, C5, PRE4) Komplex

Jede der sieben α -Typ-Untereinheiten hat zwei Nachbarn innerhalb des heptameren Rings, die α -cis-Wechselwirkungen aufweisen, und eine oder zwei in Nachbarschaft liegende β -Typ-Untereinheiten im anderen Ring mit α -trans- β -Wechselwirkungen. Die zentral lokalisierten β -Typ-Untereinheiten haben zusätzlich zu den β -cis und β -trans- α -Wechselwirkungen eine oder zwei in Nachbarschaft liegende β -Typ Untereinheiten im anderen β -Ring mit β -trans- β -Wechselwirkungen.

Die generelle Architektur der Quartärstruktur ist im Proteasom von *T.acidophilum* und Hefe gleich (Fig. 2): Das N-terminale

- 17 -

Schleifensegment, Helix H0 (Reste 20 bis 30), Schleife L, die H2 und S5 verbindende Schleife und der Strang S7 vermitteln α -cis-Wechselwirkungen. Die β -cis-Kontakte, die weniger eng zu sein scheinen, umfassen die Schleife L, das N-Ende der Helix H1, den Strang S7 und den den Strang S8 und die Helix H3 verbindenden Knick. Diese Kontakte stammen aus dem D7-symmetrischen Vorläufer und finden sich auch im *T.acidophilum* Proteasom. Trotz der konservierten Architektur sind diese Kontakte aufgrund ihrer spezifischen Aminosäuresequenzen für die jeweiligen Untereinheiten spezifisch.

Es gibt viele zusätzliche Kontakte, die in *T.acidophilum* fehlen, und durch Sequenzen und Sequenzinsertionen bewirkt werden, die für Hefe und Eukaryonten im allgemeinen charakteristisch sind. Innerhalb der α -Ringe werden enge α -cis-Kontakte durch die verschlungenen N-Termini der Untereinheiten $\alpha 1/C7$, $\alpha 2/Y7$, $\alpha 3/Y13$ und $\alpha 7/C1$ im Zentrum des heptameren Rings hergestellt. Das in allen Untereinheiten konservierte Tyr8 spielt eine zentrale Rolle. Innerhalb der β -Ringe existiert ein sehr spezifischer Kontakt zwischen $\beta 2/PUP1$ und $\beta 3/PUP3$, der durch den langen C-terminalen Arm von PUP1 vermittelt wird, der PUP3 umfaßt und fast den übernächsten Nachbarn $\beta 4/C11$ berührt. β -trans- α -Kontakte erfolgen durch die Helix H1-Schleife-Helix H2 Motive, welche mit den gleichen Motiven von zwei benachbarten α -Untereinheiten wechselwirken. Dieses grundlegende Kontaktmotiv war auch in der *T.acidophilum* Struktur zu sehen (siehe Figur 4a bei Löwe et al. (1995), Science 268, 3479-3486), aber die Insertion bei Rest 66 von $\beta 7/PRE4$ begünstigt dessen Assoziierung mit $\alpha 6/PRE5$ und $\alpha 7/C1$. In ähnlicher Weise bindet die lange Insertion in $\alpha 2/Y7$ bei Rest 210 zwischen den Strängen S9 und S10 an $\beta 2/PUP1$ und koppelt dieses Paar. Spezifische β -trans- β -Wechselwirkungen werden durch den C-terminalen Arm von $\beta 7/PRE4$ gebildet, der zwischen $\beta 2'/PUP1$ und $\beta 1'/PRE3$ eingelagert ist. Das C-terminale Segment von $\beta 5/PRE2$ wechselwirkt mit $\beta 3'/PUP3$ und $\beta 4'/C11$ auf ähnliche Weise (Figur 3). Die lange Insertion von $\beta 6/C5$ am Rest 145 kontaktiert Untereinheit $\beta 3'/PUP3$ und den C-terminalen Arm von $\beta 2'/PUP1$.

- 18 -

Sehr spezifische β -trans- β -Wechselwirkungen werden durch Magnesiumionen vermittelt: Magnesium Y8 verbrückt das Hauptkettencarboxylat von Asp193 aus $\beta 6/C5$ mit der Schleife 162 bis 167 von $\beta 2'/PUP1$. Auf gleiche Weise verbrückt das Magnesium Y9 die Untereinheit $\beta 3/PUP3$ über Asp193 mit $\beta 5'/PRE3$. Darüber hinaus sind diese Carboxylatgruppen Liganden für andere Magnesiumionen, die in den Schleifen 165 von $\beta 4/PUP3$ (Magnesium W6) bzw. $\beta 6/C5$ (Magnesium W4) lokalisiert sind und die eine Rolle in der Stabilisierung der Untereinheitenstruktur spielen können. Die Aspartatreste sind vollständig verdeckt und ihre Seitenketten an Ladung-Ladung-Wechselwirkungen mit Arg 19 von $\beta 2'/PUP1$ bzw. Arg 19 von $\beta 5'/PRE2$ beteiligt, wodurch die β -trans- β -Kontakte weiter verstärkt werden. Die β -Typ Untereinheiten $\beta 1/PRE3$ und $\beta 4/C11$ liegen an der einzigen Moleküldiade des Hefeproteasoms und sind sehr ähnlich dem dominanten β -trans- β -Kontakt an den Resten 133-137 der Helix H3 von *T. acidophilum*.

18 Magnesiumpositionen wurden im Proteasommolekül identifiziert, von denen 12 auf den Innenwänden der β - β -Kammer lokalisiert sind und die im Folgenden diskutierte saure Natur dieses Kompartments belegen. Es ist erkennbar, daß die Vielzahl spezifischer Wechselwirkungen zwischen den Untereinheiten deren spezifische und eindeutige Positionen innerhalb des Proteasoms bestimmt.

4.3 Die N-terminale Threoninposition

Im *T. acidophilum*-Proteasom wurde durch Struktur- und Mutationsuntersuchungen ein katalytisches System mit Thr1, Glu17 und Lys33 definiert (Löwe et al. (1995), supra und Seemüller et al. (1995), Science 268, 579-582).

Nahe an Thr 1 befinden sich die Reste Ser129, Ser169 und Asp166, die für die strukturelle Integrität dieser Stelle erforderlich sind, aber auch an der Katalyse beteiligt sein könnten. Durch Mutagenese wurde gezeigt, daß Asp166 im Protea-

- 19 -

som von *T. acidophilum* essentiell ist (Seemüller et al. (1996), Nature 382, 468-470). Diese Reste sind in den aktiven Untereinheiten PUP1, PRE2 und PRE3 invariant.

5 Zusätzlich wurde ein vollständig gebundenes Lösungsmittelmolekül NUK in allen drei Untereinheiten nahe bei Thr10^γ und N, Ser1290^γ und N und Gly47N gefunden, wie exemplarisch für die Untereinheit β5/PRE2 im Lactacystin-Komplex (Figur 4) gezeigt ist. Dies wurde bei einer geringeren Auflösung im Modell von
10 *T. acidophilum* nicht erkannt. Thr1N hat Wasserstoffbrücken zu Ser1680 und O^γ und Ser1290^γ. Thr10^γ hat eine Wasserstoffbrücke zu Lys33^δ. Asp17 hat Wasserstoffbrücken über O^{δ1} zu Arg19N und Gly170N und über O^{δ2} zu Thr/Ser2N und Lys33N^δ. Auf ähnliche Weise hat Lys33N^δ drei Wasserstoffbrücken zu Asp170^{δ2}, Arg190
15 und Thr10^γ.

Das Muster von Wasserstoffbrücken läßt vermuten, daß sowohl Asp17 als auch Lys33 geladen sind. Thr1N kann eine Wasserstoffbrücke zu ThrO^γ ausbilden und ist vermutlich neutral, ein
20 Zustand der durch einen nahegelegenen positiv geladenen Lysinrest begünstigt wird. Eine solche Ladungsverteilung wäre auch aufgrund der jeweiligen Standard-pKa-Werte zu erwarten. Thr1N ist daher höchswahrscheinlich der Protonenakzeptor, wenn Thr10^γ an einem elektrophilem Zentrum beteiligt ist. Dies wird durch
25 die Struktur des Lactacystinkomplexes bestätigt, der einen Ester zwischen Lactacystin und Thr1 als Ergebnis einer β-Lacton-Ringöffnung nach einem nukleophilen Angriff durch Thr10^γ aufweist. Thr1N ist genau an der Position, um als Protonenhuttle von Thr10^γ zum Lactacystin-O6' zu dienen. Eine analoge
30 Reaktionssequenz wird für die Hydrolyse des C-terminalen Fluorophoren von fluorogenen Substraten vorgeschlagen, wobei der Protonentransfer im Amidstickstoff der Abgangsgruppe erfolgt. Das erzeugte Acyl-Enzym wird, wie in den Abschnitten D-E von Figur 5 gezeigt, durch das Wasser NUK deacyliert. Alternativ
35 oder parallel könnte ein direkter Angriff von NUK auf die Peptidbindung erfolgen, wobei das Intermediat I umgangen wird.

4.4 Inhibitorbindung

β 3/PUP1, β 1/PRE3 und β 5/PRE2 haben den Inhibitor Acetyl-Leu-Leu-Norleucinal kovalent an Thr10' vermutlich als Hemiacetal gebunden. Er nimmt eine β -Konformation an und füllt die Lücke zwischen Strängen, welche die Reste 20 und 21 bzw. 47 enthalten (der Schleife L in Figur 3 bei Löwe et al., 1995, supra, zugeordnet), an die er über Wasserstoffbrücken gebunden ist, wodurch eine antiparallele β -Faltblattstruktur erzeugt wird.

Die Norleucinseitenkette reicht in eine Tasche (die S1 Tasche) hinein, die seitlich zu einem Tunnel hin offen ist, der zur Partikeloberfläche führt. Die Leucinseitenkette bei P2 ist nicht in Kontakt mit Protein und die Leucinseitenkette bei P3 ist in Kontakt mit der benachbarten β -Untereinheit. Die S1-Spezifitätstasche wird hauptsächlich durch die Reste 20, 31, 35, 49, 53 gebildet, d. h. Ala20, Val31, Ile35, Met45, Ala49, Gln53(K) in β 5/PRE2 (Fig. 6c), Thr20, Thr31, Thr35, Arg45, Ala49, Gln53 in β 1/PRE3 (Fig. 6a), Ser20, Cys31, His35, Gly45, Ala49, Glu53 in β 2 PUP1 (Fig. 6b). Der Rest 45 formt den Boden der Tasche und scheint weitgehend ihren Charakter zu bestimmen. Benachbarte Untereinheiten in den β -Ringern tragen weiter zu den S1-Taschen bei und modulieren deren Charakter: β 2/PUP1 im Falle von β 1/PRE3 mit His114, His116, Ser118, Asp120; β 3/PUP3 im Falle von β 2/PUP1 mit den Resten Asp114, Asp120 und Cis118 und β 6/C5 im Falle von β 5/PRE2 mit Ser118, Asp114, Glu120 und Glu122.

Lactacystin ist kovalent an β 5/PRE2 gebunden. Dies steht im Einklang mit der beobachteten chemischen Modifizierung von Untereinheit X des Säugerproteasoms (Fenteany et al., (1995), Science 268, 726-730) dem Homolog von PRE2. Seine Dimethylseitenkette bei C10 reicht wie eine Valin- oder Leucinseitenkette in S1 hinein, aber weniger tief als die Norleucinseitenkette von Calpain. Lactacystin bildet mehrere Wasserstoffbrücken mit Atomen der Proteinhauptkette LactN-Gly47O, LactO4'-Gly47N, LactO9'-Thr21N, LactO6'-Thr1N. Da diese zuletzt genannten Wechselwirkungen auch in β 2/PUP1 und β 1/PRE3 auftreten könn-

- 21 -

ten, die keine kovalenten Komplexe mit Lactacystin bilden, scheint die S1 Seitengruppe, die in der hydrophoben S1 Tasche von $\beta 5$ /PRE2 bindet, die Ausbildung einer kovalenten Bindung und deren Stabilisierung zu dirigieren. somit ist diese Seitengruppe ein wichtiger Ansatzpunkt zur Entwicklung von Inhibitoren.

4.5. Spezifität

10 $\beta 5$ /PRE2 hat einen Methioninrest an Position 45 in Kontakt mit der verzweigten Seitenkette von Lactacystin im Komplex. Im Calpain-Inhibitor-Komplex drückt die Norleucinseitenkette von Calpain die Methioninseitenkette um bis 0,27 nm in Richtung auf Ile35, das aus dem Weg rotiert. Diese koordinierten Bewegungen machen die S1 Tasche geräumiger. Dies steht im Einklang mit der Beobachtung, daß Lactacystin die chymotryptische Aktivität gegenüber chromogenen Substraten hemmt. Auf ähnliche Weise wird die chymotryptische Aktivität in Proteasomen mit einer $\beta 5$ /PRE2 Mutante, die nicht aus ihrer Proform prozessiert werden kann (Chen & Hochstrasser (1996), Cell 86 961-972) und durch eine Mutation in $\beta 5$ /PRE2 verringert, wo eine Substitution von Ala49 durch Val in der S1 Tasche die Größe beschränkt (Heinemeyer et al. (1993), J. Biol. Chem. 268, 5115-5120). $\beta 1$ /PRE3 hat einen Argininrest in Position 45 am Boden der S1 Tasche, die gut für Glutamat P1 Reste geeignet ist. Sie ist am wahrscheinlichsten die mit der Peptidylglutamyl-Peptid-Hydrolyseaktivität (PGPH) des Proteasoms assoziierte Untereinheit. Jedoch auch die Norleucinseitenkette besetzt diese basische Tasche im Calpaininhibitor-Komplex. Es wurde eine hohe zusätzliche Dichtepeak beobachtet, der mit der Guanidiniumseitenkette assoziiert ist und als Chlorid- oder Carbonation interpretiert werden kann, welches eine nicht ausgeglichene positive Ladung kompensiert. $\beta 2$ /PUP1 hat als Rest 45 ein Glycin und folglich eine geräumige, am Boden durch His35 und Glu53 begrenzte S1 Tasche.

- 22 -

Wir folgern, daß $\beta 5/\text{PRE2}$ sowohl die chymotryptische als auch die tryptische Aktivität enthält, während $\beta 1/\text{PRE3}$ die PGPH-Aktivität enthält, aber beide Taschen sind hinsichtlich der Größe (PRE2) und der Polarität (PRE3) anpassungsfähig. $\beta 2/\text{PUP1}$ ist für sehr große P1 Reste mit basischem Charakter geeignet. Mutationsanalysen haben gezeigt, daß Substitutionen in $\beta 4/\text{C11}$ und $\beta 7/\text{PRE4}$ die chymotrypsinartige bzw. die PGPH Aktivität beeinflussen (Heinemeyer et al. (1993), supra; Hilt & Wolf (1996); TIBS 21, 96-102; Hilt et al. (1993), J. Biol. Chem. 268, 3479-3486). Diese Untereinheiten sind inaktiv, aber in Nachbarschaft zu den Untereinheiten $\beta 5/\text{PRE2}$ und $\beta 1/\text{PRE3}$ aus beiden Ringen gelegten (Figur 4). Der Austausch von Ser136 durch das voluminöse Phe in $\beta 4/\text{C11}$ stört den β -trans- β -Kontakt an Helix H3 zwischen $\beta 4/\text{C11}$ und $\beta 5/\text{PRE2}$ und kann die benachbarte Thr1 Stelle stören, wie auch vermutlich die Deletion der 15 C-terminalen Reste von $\beta 7/\text{PRE4}$, die extensive Kontakte mit $\beta 1/\text{PRE3}$ bilden (Fig. 3).

4.6 Propeptide und Prozessierung

Fünf β -Typ-Untereinheiten werden mit Propeptiden unterschiedlicher Längen bis zu 75 Aminosäuren synthetisiert, die während der Reifung abgespalten werden. $\beta 2/\text{PUP1}$, $\beta 5/\text{PRE2}$ und $\beta 1/\text{PRE3}$ zeigen eine Autolyse zwischen Gly-1 - Thr1. Dies ist ein Prozeß, für den das Vorhandensein von Thr1, Gly-1 und Lys33 erforderlich ist. Wir hatten bereits eine Autolyse innerhalb der Untereinheit vorgeschlagen, wobei Thr10' als Nukleophil die vorangehende Peptidbindung angreift (Schmidtke et al. (1996), EMBOJ. 15, 6887-6898).

Gemäß der Kristallstruktur wird dem Wasser NUK eine zentrale Rolle zugeordnet. Es ist idealerweise so positioniert, um als Base bei der Entfernung eines Protons von Thr10' zu wirken und die nukleophile Addition an den Carbonylkohlenstoff von Gly-1 anzutreiben. Es gibt keine Informationen über die Position und Orientierung der Gly-1-Thr1-Peptidgruppe in den vollständig prozessierten Untereinheiten, aber wir können sie von teil-

- 23 -

weise prozessierten oder unprozessierten Untereinheiten $\beta 3/\text{PUP3}$, $\beta 6/\text{C5}$ und $\beta 7/\text{PRE4}$ ableiten, welche ähnliche Orientierungen zeigen. Gly-10 ist in diesen Untereinheiten in Richtung des positiv geladenen Lys33N⁺ und von Gly47N gerichtet, die ein Sauerstoffanionenloch in Analogie zu Serinproteasen bilden, um die entstehende negative Ladung zu verteilen, wenn das tetraedrische Addukt gebildet wird. Eine Umlagerung zum Ester kann nach dem Protonentransfer vom Wasser NUK zu Thr1N und Spaltung der Peptidbindung erfolgen. Die nahegelegenen Reste Ser129O⁺ und Ser169O⁺ unterstützen diese Reaktion. Beide Hydroxylgruppen sind über Wasserstoffbrücken an Asp166 gebunden, welches in den aktiven Untereinheiten invariant ist. NUK ist wahrscheinlich ebenfalls bei der Esterhydrolyse als angreifendes Nukleophil beteiligt, welches schließlich in das Produkt eingebaut wird (Fig. 5, Abschnitte a bis c). Der Gly-1 Rest scheint essentiell zu sein, da eine Seitenkette an Position -1 mit dem Proteinrückgrat bei Position 168 interferieren und eine Konfiguration erzwingen würde, die für eine Autolyse ungeeignet ist.

20

Mit Freisetzung von Thr1 werden die Untereinheiten aktiv. Wenn die katalytische Stelle nicht intakt ist, wie in den Untereinheiten $\beta 3/\text{PUP3}$, $\beta 6/\text{C5}$ und $\beta 4/\text{C11}$, denen Thr1 fehlt, in $\beta 7/\text{PRE4}$, bei dem Lys33 durch Arg ersetzt ist, und in konstruierten Varianten von LMP2, dem Säugerhomolog von $\beta 1/\text{PRE3}$ (Schmidtke et al. (1996), supra) und von PRE2 (Chen & Hochstrasser (1996), supra) tritt eine Autolyse bei Rest 1 nicht auf. $\beta 7/\text{PRE4}$ besitzt beide essentiellen Reste Gly-1 und Thr1, aber in einer Konfiguration, die sich stark von derjenigen unterscheidet, die in den aktiven Untereinheiten gefunden wird, da die Thr1 Seitenkette durch das größere Arg33 weggedrückt wird, welches den Lysinrest ersetzt (Figur 4b). Das Auffinden von Defekten in der katalytischen Aktivität und in der Prozessierung belegt die strukturelle Labilität der Thr1-Stelle, die durch Mutationen von benachbarten Resten der gleichen oder benachbarten Untereinheiten gestört werden kann. Andererseits ist es auch möglich, daß eine inaktive Mutante in

35

- 24 -

der Umgebung aktiver Untereinheiten selbst aktiv werden kann, was im Einklang mit Beobachtungen steht, daß *T. acidophilum* Spezies, die einen Defekt in der Prozessierung aufweisen, bei Koexpression mit Wild-Typ-Protein prozessiert werden (Seemüller et al. (1996), supra).

Die Propeptide spielen eine essentielle Rolle bei der Assemblierung eukaryontischer Proteasomen, was auf direkte oder indirekte Effekte durch Teilnahme an Wechselwirkungen zwischen Untereinheiten und/oder durch Stabilisierung der Struktur von Untereinheiten zurückzuführen sein kann. Die beobachteten Strukturen der Prozessierungsintermediate von $\beta 7/\text{PRE4 (M)}$ und $\beta 6/\text{C5}$ und des unprozessierten Propeptids $\beta 3/\text{PUP3}$ geben Hinweise darauf, daß beide Effekte auftreten, da die Propeptide fest an den Rest des Proteins gebunden sind und mit anderen Untereinheiten wechselwirken, z. B. Propeptid $\beta 7/\text{PRE4}$ mit $\beta 1/\text{PRE3}$ bei den Resten 92 und 115 und Propeptid $\beta 6/\text{C5}$ mit $\beta 7/\text{PRE4}$ bei 91 und 116.

4.7 Eintritt in das und Austritt aus dem Proteasompartikel

Die hydrolytische Aktivität des Proteasoms ist mit Thr1 und der β -Ringflächen im Inneren des die hydrolytische Kammer definierenden β -Hohlraums assoziiert. Das Substrat muß in das Partikel eindringen und das Produkt muß freigesetzt werden. Beim Proteasom von *T. acidophilum* sind zwei Eintrittsöffnungen mit einem Durchmesser von etwa 1,3 nm an den Enden der zylindrischen Teilchen offen, die durch eine Ringfläche von Knickbildenden Segmenten Tyr126-Gly-Gly-Val der sieben identischen α -Untereinheiten begrenzt sind. Die N-terminalen Reste 1 bis 12 sind in diesem Protein ungeordnet.

Im Gegensatz dazu ist die hydrolytische Kammer des 20S Proteasoms der Hefe fast unzugänglich. Die N-Termini der Untereinheiten $\alpha 1/\text{C7}$, $\alpha 2/\text{Y7}$, $\alpha 3/\text{Y13}$, $\alpha 6/\text{PRE5}$ und $\alpha 7/\text{C1}$ reichen in die Öffnung hinein und füllen sie vollständig mit mehreren Schichten von eng miteinander verwobenen Seitenketten aus (Figur 8).

- 25 -

Es gibt somit keinen Zugang in das Innere des Partikels von den Zylinderenden ohne erhebliche Umlagerung. Es gibt einige enge Seitenfenster, insbesondere an der Grenzfläche zwischen den α - und β -Ringern, die durchlässiger sind als im T.acidophilum Proteasom, da kleinere Seitenketten dort vorliegen. Diese Öffnungen befinden sich hauptsächlich zwischen den zahnartigen Helix H1-Knick-Helix H2-Motiven der α - β -Grenzfläche (siehe Figur 4a bei Löwe et al. (1995), supra) und führen zu den N-terminalen Threoninresten des aktiven Zentrums. Sie sind mit polaren und geladenen Aminosäureseitenketten bedeckt, die sich bewegen können, um Öffnungen mit etwa 1 nm Durchmesser zu erzeugen und möglicherweise die Passage von ungefalteten gestreckten Polypeptidketten erlauben. Das 19S Partikel, welches die ATP- und Ubitiquin-Abhängigkeit der Proteolyse durch das Proteasom bewirkt, ist an die Partikel angeheftet um das 26S Proteasom zu bilden. Die Assoziierung führt zu einer starken Aktivierung der Peptidhydrolyse (Hoffman und Rechsteiner (1994), J. Biol. Chem. 269, 1690-16895). Auf ähnliche Weise ist der Proteasomregulator PA28 an α -Typ Untereinheiten gebunden (Kania et al. (1996), Euro. J. Biochem. 236, 510-516). Er beschleunigt die Peptidspaltung und verbessert die Antigenprozessierung. Beide regulatorischen Faktoren könnten die Eingangsöffnungen auf kontrollierte Weise in vivo öffnen.

25 4.8 Erzeugung von MHC Klasse I Peptiden

Das 20S Proteasom erzeugt Peptidprodukte mit einer engen Längenverteilung, überwiegend Octa- oder Nonapeptide, ein Größenbereich, der optimal für die Bindung von MHC Klasse I Molekülen ist (York & Rock (1996), Annu. Rev. Immunol. 14, 369-396). In vitro Untersuchungen haben gezeigt, daß durch 20S Proteasomen aus intakten Proteinen erzeugte Peptide durch MHC Klasse I Moleküle präsentiert werden (Dick et al. (1994) Immunol. 152, 3884-3894; Niedermann et al. (1996), Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93, 8572-8577). In einem in vivo Experiment wurde gezeigt, daß Proteasomeninhibitoren die MHC Klasse I Präsentation von Proteinantigenen hemmen (Rock et al. (1994), Cell 78, 761-771)

- 26 -

und daß die Anzahl der an der Zelloberfläche vorliegenden MHC Klasse I Moleküle durch die induzierbaren Proteasomenuntereinheiten $\beta 5i/LMP7$ und $\beta 1i/LMP2$ reguliert wird, wie in Mäusen mit zielgerichteten Deletionen der für diese Proteine codierenden Gene gezeigt wurde (Fehling et al. (1994) Science 265, 1234-1237). LMP2 und LMP7 ersetzen nach IFN- γ Stimulierung die konstitutiv exprimierten Untereinheiten.

MHC Klasse I Peptide haben üblicherweise basische oder hydrophobe C-terminale Reste (siehe den Übersichtsartikel von Engelhard (1994), Curr. Opin. Immunol. 6, 13-23). Die LMP2/7 Substitution ändert vermutlich die Verteilung von Peptiden, so daß ein größerer Anteil der von MHC Klasse I Molekülen bevorzugten Peptiden erzeugt wird. LMP2 ersetzt Y, das humane Homologe von $\beta 1/PRE3$, LMP7 ersetzt X, das Homologe von $\beta 5/PRE2$. Alle Mitglieder dieser Unterfamilie zeigen einen hohen Grad an Sequenzidentität, aber $\beta 1i/LMP2$ hat zwei auffällige Unterschiede gegenüber $\beta 1/PRE3$ in der S1 Tasche: Thr31 \rightarrow Phe und Arg45 \rightarrow Leu. Durch den Austausch von Arg gegen Leu wird die Tasche unpolar und durch den Austausch von Thr gegen Phe enger, so daß die PGPH-Aktivität verringert und die chymotryptische Aktivität erhöht werden sollte, wenn $\beta 1i/LMP2$ das Säugerhomolog für $\beta 1/PRE3$ ersetzt. Dies wird in der Tat beobachtet (Gaczynska et al. (1993), Nature 365, 264-267; Driscoll et al. (1993), Nature 365, 262-264) wenn LMPs durch eine Behandlung mit IFN- γ induziert werden. Die gegenteilige Wirkung findet man in Zelllinien, denen die LMP2 und LMP7 Gene fehlen und in Mutantenmäusen mit einer Disruption des LMP2 Gens (Van-Kaer et al. (1994), Immunity 1, 533-541). Ein Ersetzen der Säugerhomologen von $\beta 5/PRE2$ und $\beta 2/PUP1$ durch LMP7 bzw. MECL1 beeinflußt nicht direkt die S1 Taschen und ihre Effekte können nicht von einer Änderung der Spezifität bei P1 stammen, wie man sie für LPM2 findet.

Im Hefe 20S Proteasom werden die Untereinheiten $\beta 7/PRE4$ bzw. $\beta 6/C5$ an den Resten -8 und -9 teilweise prozessiert. Dabei entstehen Octa- oder Nonapeptidprodukte, die nicht aus dem

- 27 -

Enzym freigesetzt werden. Beide Peptide haben ähnliche Konformationen mit einer Verdickung, die zwei Abschnitte mit langgestreckter Konformation unterteilt, was der Konformation von MHC Klasse I-gebundenen Peptiden ähnelt. Durch Vergleich des
5 Propeptids von $\beta 6/C5$ mit einem viralen Peptidnonamer im Komplex mit seinem MHC Klasse I Rezeptor (Madden et al. (1992), Nature 321-325) wird die Ähnlichkeit mit rms Abweichungen für alle Atome von 0,23 nm und für die C^α -Atome von 0,13 nm quantifiziert und läßt vermuten, daß bevorzugte lokale Kon-
10 formationen eine Rolle bei der Erzeugung (durch das Proteasom) und Präsentation (durch MHC Klasse I Moleküle) von immundominanten Peptidepitopen spielen.

Ansprüche

1. Verfahren zum Gewinnen einer aufgereinigten eukaryontischen Proteasomenpräparation, umfassend die Schritte:
 - (a) Herstellung eines Rohextrakts durch Aufschluß von eukaryontischen Zellen,
 - (b) Abtrennung unlöslicher Bestandteile aus dem Rohextrakt;
 - 10 (c) chromatographische Auftrennung in Fraktionen über ein Ionenaustauschermedium,
 - (d) Testen der in Schritt (c) erhaltenen Fraktionen und Sammeln der aktiven Fraktionen,
 - (e) chromatographische Auftrennung über Hydroxyapatit,
 - 15 (f) Testen der in Schritt (e) erhaltenen Fraktionen und Sammeln der aktiven Fraktionen,
 - (g) Konzentrierung der vereinigten Fraktionen,
 - (h) chromatographische Auftrennung über ein Gelfiltrationsmedium und
 - 20 (i) Testen der in Schritt (h) erhaltenen Fraktionen und Sammeln der aktiven Fraktionen.
2. Verfahren nach Anspruch 1
dadurch gekennzeichnet,
25 daß man Hefezellen verwendet.
3. Verfahren nach Anspruch 1,
dadurch gekennzeichnet,
daß das Testen der Fraktionen in Schritt (d), (f)
30 oder/und (i) jeweils zwei Bestimmungen der proteolytischen Aktivität umfaßt, wobei eine in Abwesenheit und die andere in Gegenwart eines Proteasomeninhibitors durchgeführt wird.
- 35 4. Verfahren nach Anspruch 3,
dadurch gekennzeichnet,
daß man Lactacystin als Proteasomeninhibitor verwendet.

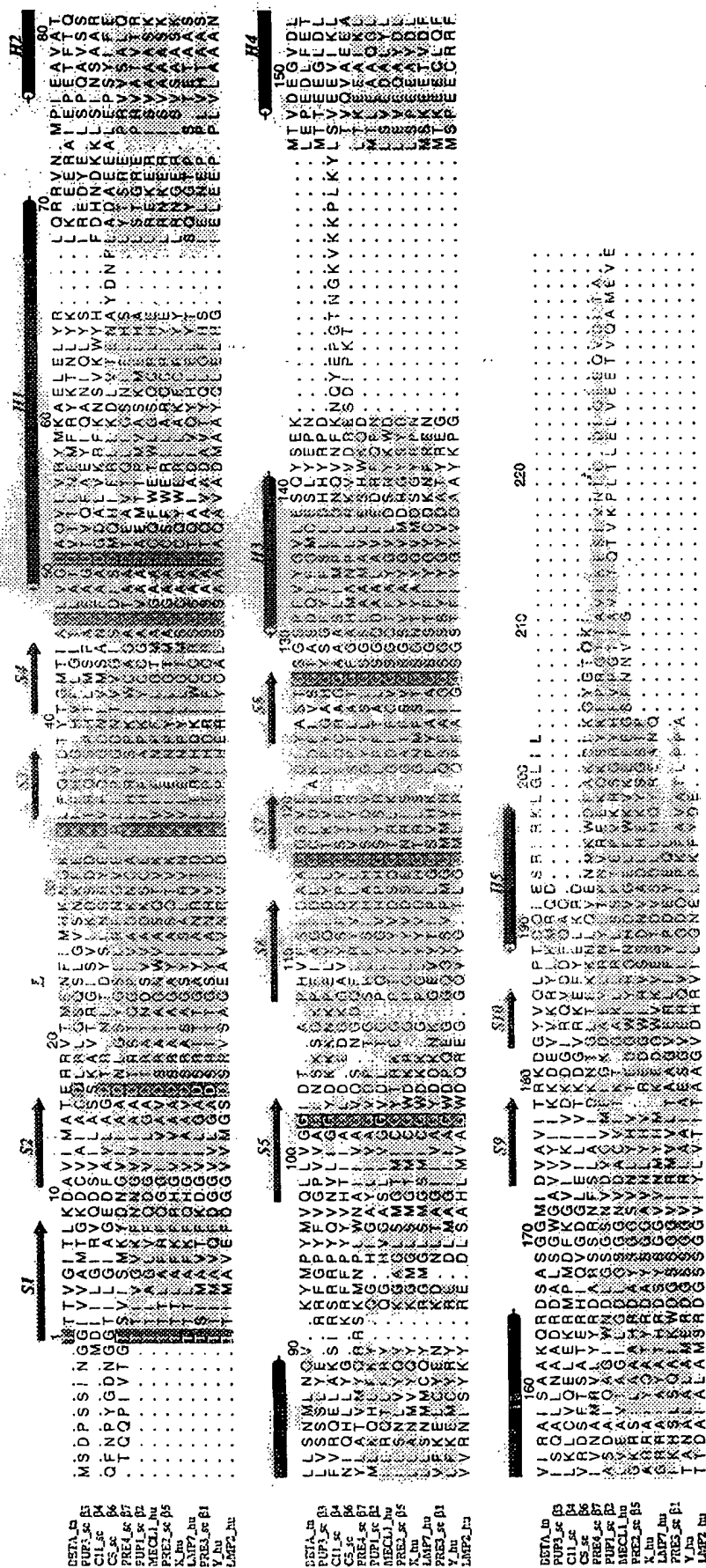
- 29 -

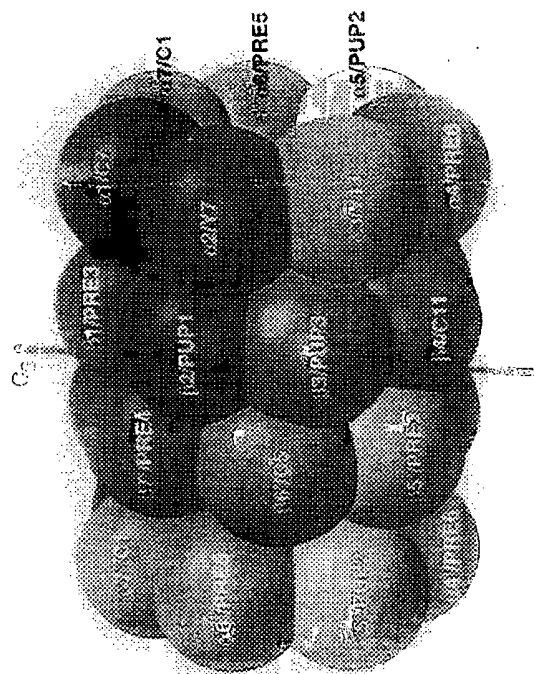
5. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 4,
dadurch gekennzeichnet,
daß mindestens einer der chromatographischen
Trennschritte in einem FPLC-System durchgeführt wird.
6. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 5,
weiterhin umfassend das Kristallisieren der aufgereinig-
ten Protesomenpräparation.
7. Aufgereinigte eukaryontische Proteasomenpräparation,
erhältlich durch das Verfahren nach einem der Ansprüche 1
bis 5.
8. Aufgereinigte eukaryontische Proteasomenpräparation in
kristallisierbarer Form.
9. Aufgereinigte kristallisierte eukaryontische Proteasomen-
präparation.
10. Präparation nach Anspruch 9,
dadurch gekennzeichnet,
daß der Kristall einen Proteasomeninhibitor enthält.
11. Präparation nach Anspruch 10,
dadurch gekennzeichnet,
daß der Inhibitor ein Tripeptid-Aldehyd oder Lactacystin
ist.
12. Präparation nach einem der Ansprüche 7 bis 11,
dadurch gekennzeichnet,
daß sie ein Proteasom aus einer Hefe umfaßt.
13. Präparation nach Anspruch 12,
dadurch gekennzeichnet,
daß sie ein Proteasom aus *Saccharomyces cerevisiae* um-
faßt.

- 30 -

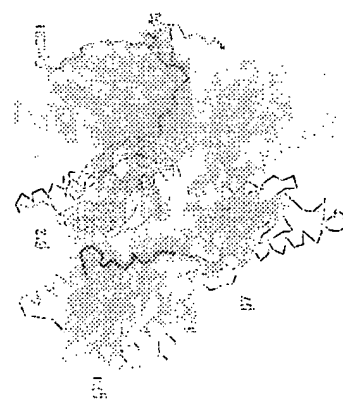
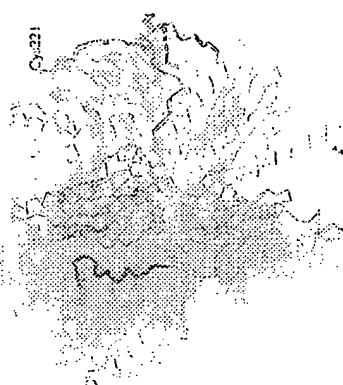
14. Präparation nach einem der Ansprüche 7 bis 13,
dadurch gekennzeichnet,
daß sie einen Komplex aus 28 Untereinheiten umfaßt, der
5 jeweils 2 Moleküle von 7 verschiedenen α -Typ-Untereinheiten und 7 verschiedenen β -Typ-Untereinheiten enthält.
15. Verwendung der aufgereinigten eukaryontischen Proteasomenpräparation nach einem der Ansprüche 7 bis 14 zur
10 Identifizierung und Gewinnung neuer Proteasomeninhibitoren.
16. Verwendung von Daten aus der Kristallstruktur von kristallisierten eukaryontischen Proteasomenpräparationen
15 nach einem der Ansprüche 9 bis 14 zur Identifizierung und Gewinnung neuer Proteasomeninhibitoren.
17. Verwendung von Kristallstrukturdaten aus dem Bereich der Proteasomentaschen S1 der Untereinheiten β 1/PRE2, β 2/PUP2
20 oder/und β 5/PRE2 zur Identifizierung und Gewinnung neuer Proteasomeninhibitoren.
18. Verwendung nach einem der Ansprüche 15 bis 17 in einem computergestützten Modellingprogramm.
25
19. Verwendung nach Anspruch 18, umfassend einen Schritt des Homologiemodelling, indem die Kristallstrukturdaten eines Hefeproteasoms mit Aminosäuresequenzen aus dem humanen Proteasom modifiziert werden.
30
20. Neuer Proteasomeninhibitor,
dadurch gekennzeichnet,
daß er eine zur Proteasomentasche S1 der Untereinheiten β 1/PRE3, β 2/PUP2 oder/und β 5/PRE2 komplementäre dreidimensionale Struktur aufweist.
35

Figur 1

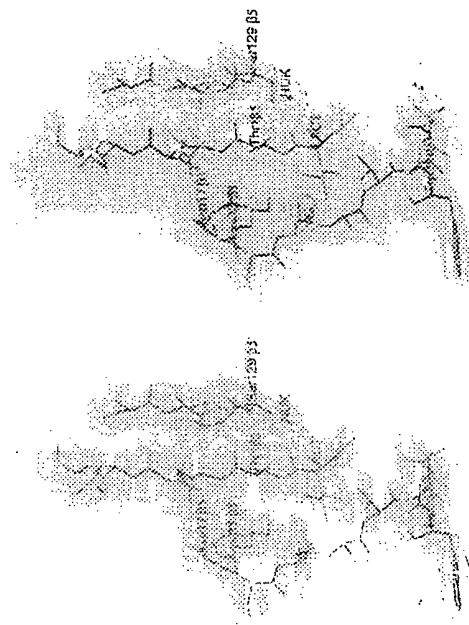




Figur 2

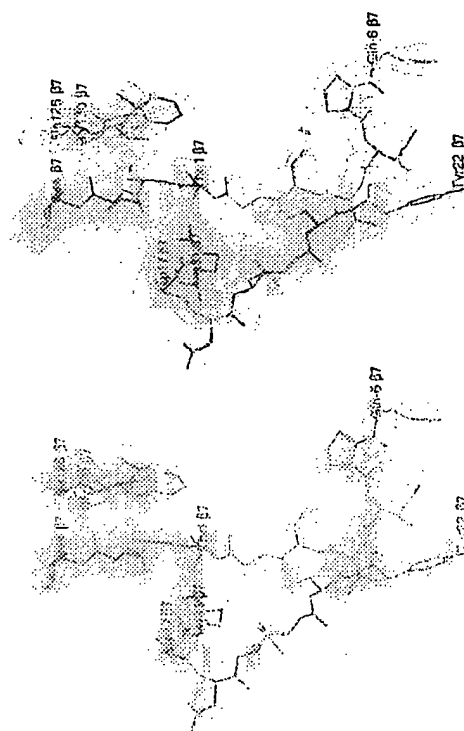


Figur 3

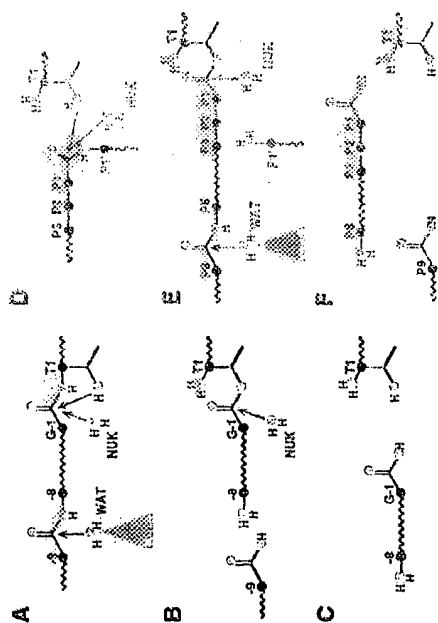


129 35

Figur 4a

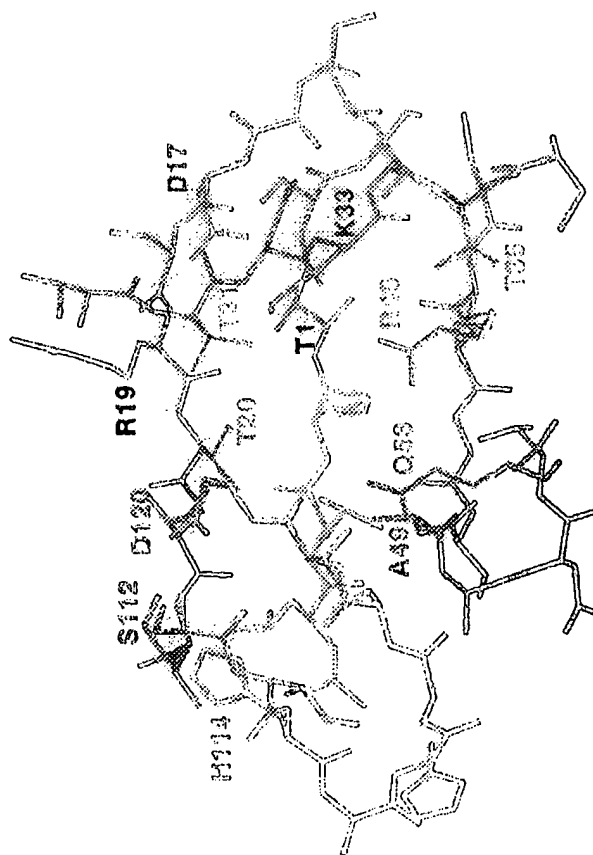
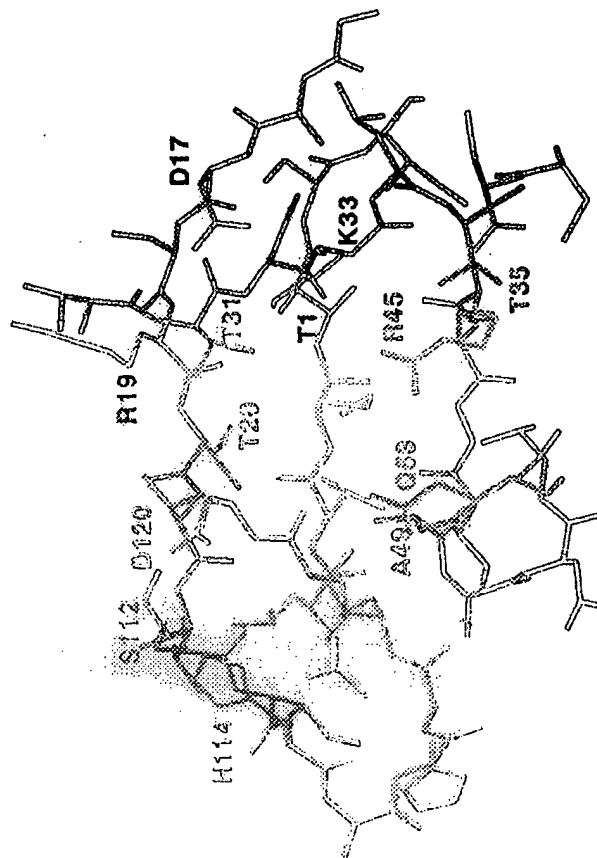


Figur 4b

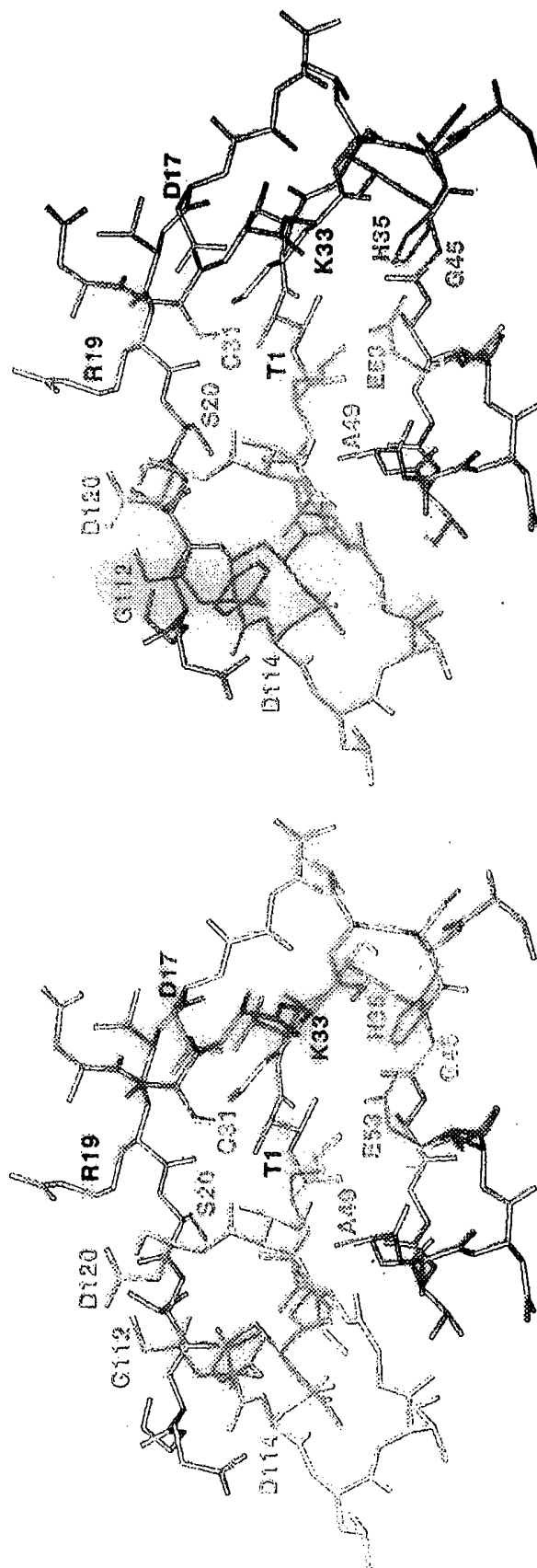


Figur 5

7/11



Figur 6a



Figur 6b

9/11

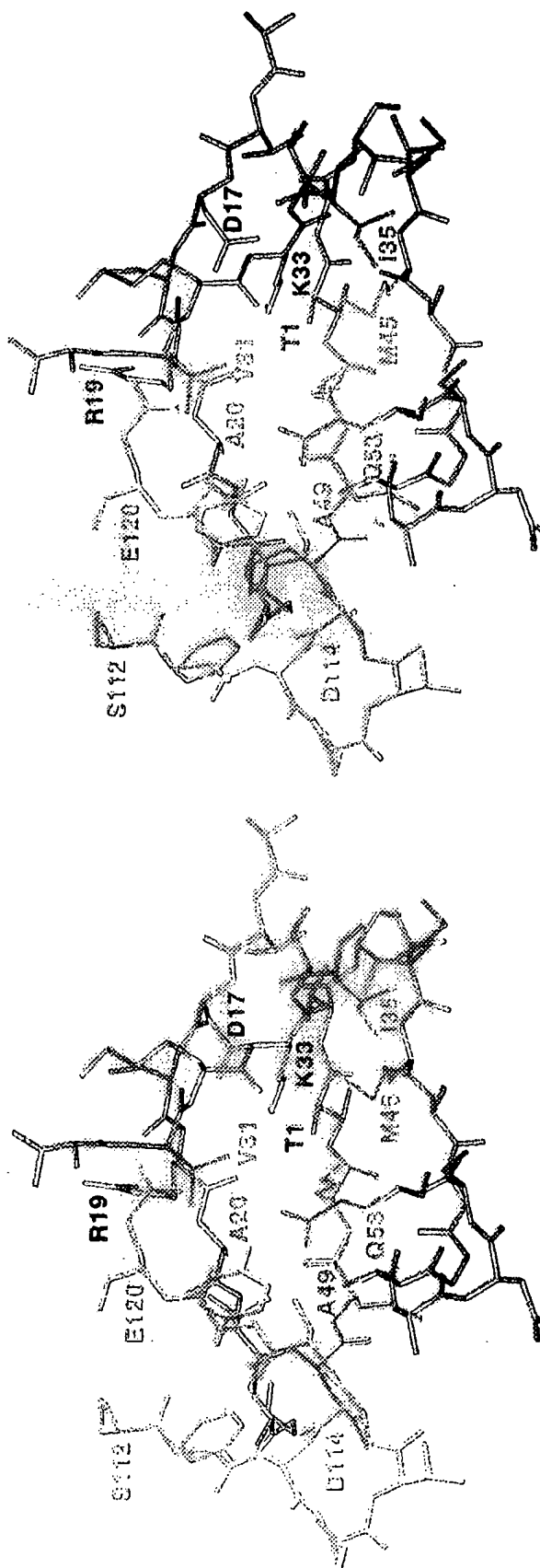
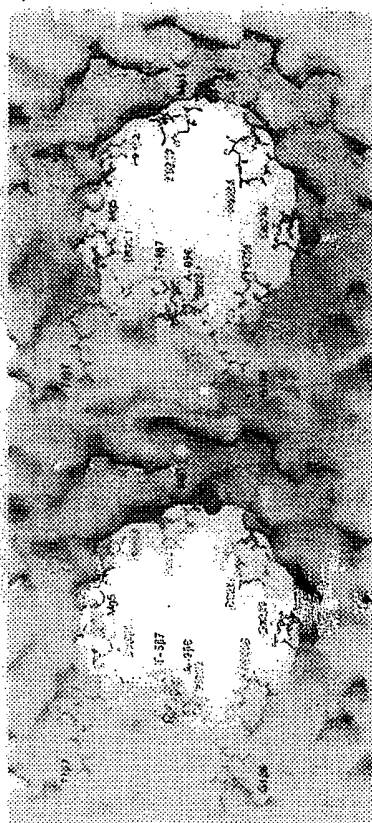
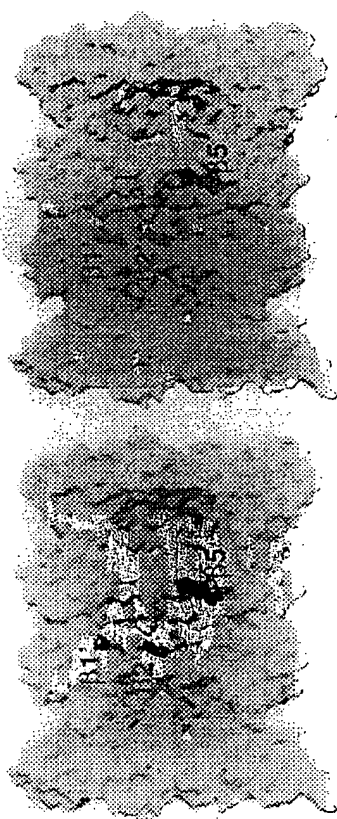


Figure 6c



Figur 7



Figur 8

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/EP 98/01653

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
IPC 6 C12N9/60

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
IPC 6 C12N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EP 0 345 750 A (OTSUKA PHARMA CO LTD) 13 December 1989 cited in the application see page 8, line 30 - page 9, line 20 see page 12, line 10 - page 14, line 16 see page 18, line 40 - line 52	1,2,5,7, 8,12-15
Y	---	3,4,10, 11,16-19
X	WO 91 13904 A (CEPHALON INC) 19 September 1991 see page 13, line 1 - page 14, line 20 see page 15, line 5 - line 14 see page 41, line 19 - page 44, line 6 see figures 13,16 --- -/--	1,7-10, 14,15,20

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *Z* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

15 July 1998

Date of mailing of the international search report

29.07.98

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

De Kok, A

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internation Application No

PCT/EP 98/01653

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	Y. MORIMOTO ET AL.: "Ordered structure of the crystallized bovine 20S proteasome" JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, vol. 117, no. 3, 1995, TOKYO JP, pages 471-474, XP002039632 see the whole document ---	1,6,8,9, 14,15, 18,19
X	K.Y. HWANG ET AL.: "Crystallization of '20S' proteasome from rat liver" MOLECULES AND CELLS, vol. 4, no. 3, 1994, SEOUL KR, pages 273-275, XP002039633 see the whole document ---	8,9,14, 15
X	G.A. PERKINS ET AL.: "The 1.5-nm projection structure of Hela cell prosome-MCP (proteasome) provided by two-dimensional crystals" JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY, vol. 113, no. 2, 1994, SAN DIEGO US, pages 124-134, XP002039634 see the whole document ---	8,9,14, 15,18,19
X	H-W. KLAFFKI ET AL: "CALPAIN INHIBITOR I DECREASES BETA A4 SECRETION FROM HUMAN EMBRYONAL KIDNEY CELLS EXPRESSING BETA-AMYLOID PRECURSOR PROTEIN CARRYING THE APP670/671 DOUBLE MUTATION" NEUROSCIENCE LETTERS, vol. 201, no. 1, January 1995, AMSTERDAM NL, pages 29-32, XP000603446 see page 29, column 2 ---	20
Y	G. FENTEANY ET AL.: "INHIBITION OF PROTEASOME ACTIVITIES AND SUBUNIT-SPECIFIC AMINO- TERMINAL THREONINE MODIFICATION BY LACTACYSTIN" SCIENCE, vol. 268, no. 5211, 5 May 1995, WASHINGTON US, pages 726-731, XP000567801 cited in the application see the whole document ---	3,4,10, 11
Y	J. LÖWE ET AL.: "Crystal structure of the 20S proteasome from the Archaeon T. acidophilum at 3.4 Å resolution" SCIENCE, vol. 268, no. 5210, 28 April 1995, WASHINGTON US, pages 533-539, XP002039635 cited in the application see the whole document ---	16-19

-/--

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/EP 98/01653

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	D. STOCK ET AL.: "Proteasome: from structure to function" CURRENT OPINION IN BIOTECHNOLOGY, vol. 7, no. 4, August 1996, PHILADELPHIA US, pages 376-385, XP002039636 see the whole document ---	1-20
A	W. HILT ET AL.: "Studies on the yeast proteasome uncover its basic structural features and multiple in vivo functions" ENZYME & PROTEIN, vol. 47, no. 4-6, 1993, BASEL CH, pages 189-201, XP002039637 see the whole document ---	1-20
T	M. GROLL ET AL.: "Structure of 20S proteasome from yeast at 2.4 A resolution" NATURE, vol. 386, no. 6024, 3 April 1997, LONDON GB, pages 463-471, XP002039638 see page 467 - page 469 -----	20

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/EP 98/01653

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 20 partially
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

Claim 20 was incompletely searched due to the lack of technical disclosure (Art. 6, PCT)

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP 98/01653

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
EP 0345750 A	13-12-1989	JP 1309686 A	14-12-1989
		DE 68922340 D	01-06-1995
		DE 68922340 T	26-10-1995
		DK 277689 A	09-12-1989
		ES 2070868 T	16-06-1995
		US 5425942 A	20-06-1995

WO 9113904 A	19-09-1991	AU 661270 B	20-07-1995
		AU 7465491 A	10-10-1991
		CA 2077665 A	06-09-1991
		EP 0518955 A	23-12-1992
		EP 0732399 A	18-09-1996
		FI 923983 A	04-09-1992

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

International. Aktenzeichen

PCT/EP 98/01653

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
IPK 6 C12N9/60

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EP 0 345 750 A (OTSUKA PHARMA CO LTD) 13. Dezember 1989 in der Anmeldung erwähnt siehe Seite 8, Zeile 30 - Seite 9, Zeile 20 siehe Seite 12, Zeile 10 - Seite 14, Zeile 16 siehe Seite 18, Zeile 40 - Zeile 52	1,2,5,7, 8,12-15
Y	---	3,4,10, 11,16-19

	-/--	



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

E älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

Z Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

15. Juli 1998

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

29. 07. 98

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

De Kok, A

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

International Aktenzeichen

PCT/EP 98/01653

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	WO 91 13904 A (CEPHALON INC) 19.September 1991 siehe Seite 13, Zeile 1 - Seite 14, Zeile 20 siehe Seite 15, Zeile 5 - Zeile 14 siehe Seite 41, Zeile 19 - Seite 44, Zeile 6 siehe Abbildungen 13,16 ---	1,7-10, 14,15,20
X	Y. MORIMOTO ET AL.: "Ordered structure of the crystallized bovine 20S proteasome" JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, Bd. 117, Nr. 3, 1995, TOKYO JP, Seiten 471-474, XP002039632 siehe das ganze Dokument ---	1,6,8,9, 14,15, 18,19
X	K.Y. HWANG ET AL.: "Crystallization of '20S' proteasome from rat liver" MOLECULES AND CELLS, Bd. 4, Nr. 3, 1994, SEOUL KR, Seiten 273-275, XP002039633 siehe das ganze Dokument ---	8,9,14, 15
X	G.A. PERKINS ET AL.: "The 1.5-nm projection structure of Hela cell prosome-MCP (proteasome) provided by two-dimensional crystals" JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY, Bd. 113, Nr. 2, 1994, SAN DIEGO US, Seiten 124-134, XP002039634 siehe das ganze Dokument ---	8,9,14, 15,18,19
X	H-W. KLAFFKI ET AL.: "CALPAIN INHIBITOR I DECREASES BETA A4 SECRETION FROM HUMAN EMBRYONAL KIDNEY CELLS EXPRESSING BETA-AMYLOID PRECURSOR PROTEIN CARRYING THE APP670/671 DOUBLE MUTATION" NEUROSCIENCE LETTERS, Bd. 201, Nr. 1, Januar 1995, AMSTERDAM NL, Seiten 29-32, XP000603446 siehe Seite 29, Spalte 2 ---	20
Y	G. FENTEANY ET AL.: "INHIBITION OF PROTEASOME ACTIVITIES AND SUBUNIT-SPECIFIC AMINO- TERMINAL THREONINE MODIFICATION BY LACTACYSTIN" SCIENCE, Bd. 268, Nr. 5211, 5.Mai 1995, WASHINGTON US, Seiten 726-731, XP000567801 in der Anmeldung erwähnt siehe das ganze Dokument ---	3,4,10, 11

-/--

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	J. LÖWE ET AL.: "Crystal structure of the 20S proteasome from the Archaeon T. acidophilum at 3.4 Å resolution" SCIENCE, Bd. 268, Nr. 5210, 28. April 1995, WASHINGTON US, Seiten 533-539, XP002039635 in der Anmeldung erwähnt siehe das ganze Dokument ---	16-19
A	D. STOCK ET AL.: "Proteasome: from structure to function" CURRENT OPINION IN BIOTECHNOLOGY, Bd. 7, Nr. 4, August 1996, PHILADELPHIA US, Seiten 376-385, XP002039636 siehe das ganze Dokument ---	1-20
A	W. HILT ET AL.: "Studies on the yeast proteasome uncover its basic structural features and multiple in vivo functions" ENZYME & PROTEIN, Bd. 47, Nr. 4-6, 1993, BASEL CH, Seiten 189-201, XP002039637 siehe das ganze Dokument ---	1-20
T	M. GROLL ET AL.: "Structure of 20S proteasome from yeast at 2.4 Å resolution" NATURE, Bd. 386, Nr. 6024, 3. April 1997, LONDON GB, Seiten 463-471, XP002039638 siehe Seite 467 - Seite 469 -----	20

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Intern: ☐ als Aktenzeichen

PCT/EP 98/01653

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 1 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
 weil Sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☒ Ansprüche Nr. 20 partiell
 weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
 Anspruch 20 wurde wegen Fehlens der technischen Offenbarung unvollständig gesucht (Art. 6, PCT)

3. ☐ Ansprüche Nr.
 weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche der internationalen Anmeldung.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die internationale Recherchenbehörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche der internationalen Anmeldung, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☐ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Gebühren erfolgte ohne Widerspruch.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internation. Aktenzeichen

PCT/EP 98/01653

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
EP 0345750 A	13-12-1989	JP 1309686 A	14-12-1989
		DE 68922340 D	01-06-1995
		DE 68922340 T	26-10-1995
		DK 277689 A	09-12-1989
		ES 2070868 T	16-06-1995
		US 5425942 A	20-06-1995

WO 9113904 A	19-09-1991	AU 661270 B	20-07-1995
		AU 7465491 A	10-10-1991
		CA 2077665 A	06-09-1991
		EP 0518955 A	23-12-1992
		EP 0732399 A	18-09-1996
		FI 923983 A	04-09-1992
